

รายชื่อวารสารทั้งหมด

พบวารสารทั้งหมด 1009 รายการ

*ท่านสามารถดูรายละเอียดของแต่ละวารสารได้โดยคลิกที่ชื่อของวารสาร

แก่นเกษตร

ISSN	E-ISSN	ชื่อไทย	ชื่ออังกฤษ	T C I ก ร ุ ม ที่	สาขา	เว็บไซต์	หมายเหตุ
0125-0485	-	<u>แก่นเกษตร</u>	<u>Khon Kaen Agriculture Journal</u>	1	Physical Science s	https://ag2.ku.ac.th/kaj/	

แก่นเกษตร

KHON KAEN AGRICULTURE JOURNAL

AG AGRICULTURAL CONFERENCE 2020

สืบสานงานพ่อ
ต่อ ยอดปณิธาน
รากฐานเกษตรอัจฉริยะ

กำหนดการและบทคัดย่อ
ประชุมวิชาการเกษตร ครั้งที่ 21

27-28 มกราคม 2563

คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น

ปีที่ 48 ฉบับพิเศษ 1 (2563) VOL. 48 SUPPLEMENT 1 (2020)

ISSN 0125-0485



แก่นเกษตร

KHON KAEN AGRICULTURE JOURNAL

❖ **แก่นเกษตร** เป็นวารสารของคณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ตีพิมพ์และเผยแพร่ผลงานทางวิชาการด้านเกษตรศาสตร์และสาขาที่เกี่ยวข้อง ปีละ 6 ฉบับ ราย 2 เดือน 1) ม.ค.-ก.พ. 2) มี.ค.-เม.ย. 3) พ.ค.-มิ.ย. 4) ก.ค.-ส.ค. 5) ก.ย.-ต.ค. และ 6) พ.ย.-ธ.ค. โดยทุกเรื่องที่ได้ตีพิมพ์ได้ผ่านการพิจารณาจากกองบรรณาธิการและผู้ตรวจอ่านทั้งภายในและภายนอก และเป็นวารสารที่ยอมรับในการใช้เป็นผลงานตีพิมพ์เรื่องที่ 2 ของนักศึกษาทุน คปภ. (ตั้งแต่รุ่นที่ 11 เป็นต้นไป)

❖ **เรื่องที่ลงตีพิมพ์** ได้แก่ บทความวิชาการจาก รายงานการวิจัย บทความทางวิชาการ เรื่องแปล ข้อคิดเห็น หรือประสบการณ์ที่เกี่ยวข้องที่เป็นประโยชน์ต่อวงการเกษตร ที่ไม่เคยตีพิมพ์ที่ใดมาก่อน โดยมีผู้เขียนหรือผู้ร่วมเขียนอย่างน้อย 1 ท่านที่เป็นสมาชิกวารสารแก่นเกษตร

❖ **ติดต่อสอบถาม** รายละเอียดต่าง ๆ เกี่ยวกับวารสารแก่นเกษตรสามารถติดต่อได้ที่

บรรณาธิการวารสารแก่นเกษตร
คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น
จ.ขอนแก่น 40002
โทร/Fax. 043-202360
Email: agkasetkaj@gmail.com
Website: <http://ag2.kku.ac.th/kaj>

ฝ่ายทะเบียนสมาชิกและจัดเตรียมต้นฉบับ

นางสาวสันธิรา ไชยดี มหาวิทยาลัยขอนแก่น
นางสาววิภาส เหลืองบุตรนาค มหาวิทยาลัยขอนแก่น

ที่ปรึกษา

รศ.ดร.ดร.ณิ โชติชูขันธ์, คณบดี มหาวิทยาลัยขอนแก่น

บรรณาธิการ

รศ.ดร.ปรเมศ บรรเทียง มหาวิทยาลัยขอนแก่น

บรรณาธิการ (ฉบับพิเศษ)

ผศ.ดร.นันทวุฒิ จงรังกลาง มหาวิทยาลัยขอนแก่น

กองบรรณาธิการ (ฉบับพิเศษ)

รศ.ดร.ยศ บริสุทธิ	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
รศ.ดร.อนุสรณ์ เชิดทอง	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ผศ.ดร.สมสมร แก้วบริสุทธิ	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ผศ.ดร.ธีรชัย หายทุกข์	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ผศ.ดร.สันติไมตรี ก้อนคำดี	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ผศ.ดร.พัชริน สงศรี	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ผศ.ดร.พัชรีย์ สุริยะ	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ผศ.ดร.เยาวรัตน์ ศรีวรานันท์	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ผศ.ดร.อนันต์ วงเจริญ	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ผศ.ดร.พฤษภา หล้าวงษา	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ผศ.ดร.อุบล ดังความนิช	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ผศ.ดร.บัณฑิต ยวงสร้อย	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ผศ.ดร.สุธี วงศ์มณีประทีป	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ผศ.ดร.สุภัทร อิศรางกูร ณ อยุธยา	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ผศ.ดร.ภาณุพล หงษ์ภักดี	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ดร.ปนัดดา อุตตรนคร	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ดร.สมพงษ์ จันทร์แก้ว	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ดร.สุวิดา แสไพศาล	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ดร.หยาดรุ้ง มะวงศ์ไ	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ดร.ธนาภัทรภรณ์ สุกิจประภานนท์	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ดร.สุกัลยา เชิญขวัญ	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ดร.วิที เหมอินวอน	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ดร.ปัทมา วิริยพัฒนทรัพย์	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ดร.รำไพ นามพิลา	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ดร.วาสนา ไพโรจน์ทรัพย์	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ดร.ธิดารัตน์ มอญขาม	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ดร.พรทิพย์ โพนตุแสง	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ดร.ชนรินทร์ พ้าแลบ	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ดร.กานต์สิริ จินดาปัญญาพัฒน์	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
อ.มัลลิกา ศรีสุธรรม	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
อ.พัชราภรณ์ ภูมิจันทร์	มหาวิทยาลัยขอนแก่น



แก่นเกษตร

KHON KAEN AGRICULTURE JOURNAL

ปีที่ 48 ฉบับพิเศษ 1 (2563)

Vol. 48 SUPPL. 1 (2020)

- | | | |
|----|---|-----|
| 9 | ผลของเวลาการแช่ภายใต้ความดันสุญญากาศและความดันบรรยากาศปกติต่อสมบัติการต้านอนุมูลอิสระของข้าวเสริมสารสกัดดอกอัญชันด้วยเทคนิคการแทรกซึมภายใต้สภาวะสุญญากาศ
หทัยทิพย์ ร้องคำ, ปวีณา ด้านพิกุลทอง และ เกตุการ ดาจันทร์ | 493 |
| 10 | ผลของพื้นที่สำหรับตากลดความชื้นและภาชนะในการเก็บรักษาต่อเมล็ดพันธุ์ข้าวขาวดอกมะลิ 105
วันเพ็ญ ชลอเจริญยิ่ง, วัชรพงษ์ ดอกแก้ว, อภัสสร ศรีวิเศษ, สุนันทรา ไต้งาม และ นิอร งามสุข | 501 |
| 11 | Effect of Plant Spacing on Growth of Sword Bean
Nednapa Insalud and Sirilak Upalapeng | 509 |
| 12 | <u>ความหลากหลายทางพันธุกรรมของกาแฟ (<i>Coffea arabica</i>) ในพื้นที่อำเภอเขาค้อ จังหวัดเพชรบูรณ์โดยเทคนิคเครื่องหมายโมเลกุลเอสเอสอาร์</u>
<u>สุรเชษฐ เอี่ยมสำอาง และ สุมาลี พิมพ์พันธุ์</u> | 515 |
| 13 | การเจริญเติบโตและผลผลิตของข้าวโพดเลี้ยงสัตว์ที่ปลูกต่อเนื่อง 2 ฤดู ในแปลงเกษตรกรที่เคยมีการปลูกพืชร่วม
เจษฎา จารุชาติ, วรณีย์ ดอกกุหลาบ, ณัฐวุฒิ สอนพรหม, ลำแพน ขวัญพล, สุกัญญา แยมประชา, สุกัญญา สุจริยา และ นิตยา ผกามาศ | 525 |
| 14 | การเจริญเติบโตและผลผลิตของหน่อไม้และหน่อไม้สุก 2 หลังการหยุดใส่ปุ๋ยไนโตรเจน พงศ์เทพ ดาววีระกุล และ นิตยา ผกามาศ | 533 |
| 15 | ผลของการใส่ปุ๋ยพืชสดปอเทืองในอัตราไนโตรเจนที่แตกต่างกันต่อการเจริญเติบโตและผลผลิตของข้าวพันธุ์ชัยนาท 1
กิตติพงศ์ ก่อการ, สิริวิชญ์ จำปาเงิน และ นิตยา ผกามาศ | 541 |
| 16 | อิทธิพลของ PGPR ต่อการเจริญเติบโตและผลผลิตของข้าวที่ปลูกแบบอินทรีย์
จุฬามณี สุริยะภูมิ และ อรุณี พรมคำบุตร | 547 |
| 17 | ศึกษาการเจริญเติบโตของพันธุ์ถั่วเขียวในพื้นที่ชุดดินเลย
ประยูร ประเทศ, ชลธิชา จำปาน้อย, นิธิภัทร บุญปก และ ศุภดิวงษ์ บุญคง | 555 |
| 18 | คุณสมบัติทางเคมีของดินที่มีอิทธิพลต่อการเจริญเติบโตและการดูดใช้ธาตุอาหารของบักวีต
เนตรนา อินสูลุด, พีรพันธ์ ทองเปลว, วิชญ์ภาส สังพาสี, สุธีระ เข็มอีก และ ทศนีย์ สีเสนสุข | 561 |

**ความหลากหลายทางพันธุกรรมของกาแฟ (*Coffea arabica*)
ในพื้นที่อำเภอเขาค้อ จังหวัดเพชรบูรณ์ โดยเทคนิคเครื่องหมายโมเลกุลเอสเอสอาร์**

**Genetic Diversity in Coffee (*Coffea arabica*) from Khao Kho District
Phetchabun Province by SSR Marker Technique**

สุรเชษฐ เอี่ยมสำออง¹ และ สุมาลี พิมพันธ์¹

Surachest Aiumsumang¹ and Sumalee Phimphan¹

บทคัดย่อ: กาแฟเป็นพืชเศรษฐกิจที่สำคัญของจังหวัดเพชรบูรณ์ มีการส่งเสริมให้ปลูกเพื่อสร้างรายได้ให้กับเกษตรกร และมีการพัฒนาพันธุ์มาอย่างต่อเนื่อง เนื่องจากกาแฟมีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง การวิจัยครั้งนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกาแฟโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลเอสเอสอาร์ เพื่อจำแนกกาแฟ 10 สายต้น โดยเพิ่มปริมาณชนิดเอ็นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส จัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี unweighted pair-group method with arithmetic averaging (UPGMA) และความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยการวิเคราะห์ Hierarchical cluster Analysis โดยโปรแกรม SPSS ผลการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกาแฟมีค่าอยู่ในช่วง 0.03 - 0.72 ผลการจัดกลุ่มสามารถจัดกลุ่มตามความสัมพันธ์และความใกล้ชิดทางพันธุกรรมเป็น 3 กลุ่ม กลุ่มที่ 1 ได้แก่ สายต้น (7-1,7), (5-6,63), (5-3,104), (5-4,104), (5-2,74), (5-2,87), (4-1,1) และ (4-1,53) กลุ่มที่ 2 ได้แก่ (7-4,5) และกลุ่มที่ 3 ได้แก่ (4-1,39) จากการศึกษาพบว่า เครื่องหมายโมเลกุลเอสเอสอาร์สามารถจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมกาแฟออกเป็นกลุ่มได้ แม้เป็นสายพันธุ์เดียวกันแต่มีการผสมข้ามมาแล้วหลายรุ่น จนสามารถแยกออกเป็นสายต้น จากการศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกาแฟ โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลเอสเอสอาร์สามารถช่วยในการประเมินและปรับปรุงพันธุ์กาแฟต่อไป

คำสำคัญ: กาแฟ ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม เครื่องหมายโมเลกุลเอสเอสอาร์

ABSTRACT: Coffee is an important economic crop of Phetchabun province. It is encouraged to grow to generate income for farmers and have continuously developed varieties. The coffee has a high genetic diversity. This research was investigated the relationship of coffee using the SSR molecular marker to identify the 10 clones. DNA extraction and amplified by SSR marker. Cluster analysis using unweighted pair group method arithmetic mean (UPGMA) method based on genetic similarity indexes indicated that the 10 clones were clustered into three major groups: group 1 clone (7-1,7), (5-6,63), (5-3,104), (5-4,104), (5-2,74), (5-2,87), (4-1,1) and (4-1,53). Group 2 is (7-4,5) and Group 3 is (4-1,39). In this study SSR marker can be classified genetic differences, even though coffee is the same type but there are many clones, in order to find the purity of the species and the way to improve the quality of the coffee varieties. The SSR marker system is useful for identification and analysis of genetic diversity of coffee cultivars and also for breeding in future.

Keywords: coffee (*Coffea arabica*), genetic relationship, SSR marker

¹ สาขาวิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยราชภัฏเพชรบูรณ์

Biology program, Faculty of Science and Technology, Phetchabun Rajabhat University

*Corresponding author: tophesun1978@gmail.com

บทนำ

กาแฟ มีชื่อวิทยาศาสตร์คือ *Coffea arabica* L. จัดอยู่ในวงศ์ Rubiaceae กาแฟมีถิ่นกำเนิดในทวีปแอฟริกา บริเวณประเทศเอธิโอเปียและที่ราบสูงโบมา (Boma) ในประเทศซูดาน กาแฟถูกนำมาปลูกในประเทศไทยได้แก่ กาแฟพันธุ์อาราบิก้า และพันธุ์โรบัสต้า มีพื้นที่ปลูกประมาณ 300,000 ไร่ กาแฟพันธุ์อาราบิก้า เป็นกาแฟพื้นที่สูง พื้นที่เชิงเขา ปลูกมากที่จังหวัดเชียงราย ส่วนกาแฟสายพันธุ์โรบัสต้า มีการปลูกในพื้นที่ต่ำลงมา ได้แก่ ในพื้นที่จังหวัดภาคใต้ เช่น จังหวัดระนอง สุราษฎร์ธานี และชุมพร (พงษ์ศักดิ์ และ บัณฑิตชัย, 2542) ความต้องการบริโภคกาแฟภายในประเทศประมาณ 67,000 ตันต่อปี (กรมส่งเสริมการเกษตร, 2557) ซึ่งไม่พอกับความต้องการภายในประเทศ กาแฟบางส่วนจึงต้องนำเข้าจากต่างประเทศ สำหรับการปลูกกาแฟในเขตพื้นที่จังหวัดเพชรบูรณ์นั้น โดยส่วนใหญ่จะปลูกในบริเวณพื้นที่สูง พื้นที่เชิงเขา ซึ่งมักตั้งอยู่ในเขตพื้นที่อำเภอเขาค้อ อำเภอภูเรือและอำเภอหล่มเก่า การปลูกกาแฟได้รับการส่งเสริมโดยกรมวิชาการเกษตรและหน่วยงานที่รับผิดชอบโดยตรง ได้แก่ สถานีเกษตรที่สูงเขาค้อ ได้ทดลองปลูกและขยายพันธุ์ โดยสายพันธุ์ที่ส่งเสริมให้เกษตรกรปลูกเป็นหลักคือ กาแฟพันธุ์อาราบิก้า (สุดารินทร์ และคณะ, 2558) กาแฟอาราบิก้ามีโครโมโซมที่สามารถผสมตัวเองได้ ทำให้มีการผสมภายในสายพันธุ์ (inbreeding) โดยไม่ทำให้เกิดผลเสีย แต่อาจจะมีอาการแตกเหล้าขึ้นได้ เกิดเป็นสายพันธุ์ต่าง ๆ หลากหลาย สามารถแยกพันธุ์สำคัญได้คือ พันธุ์คาทูรา ซึ่งเป็นสายพันธุ์ของกาแฟอาราบิก้าดั้งเดิม และพันธุ์ทิปปิก้า (Typica) มีลักษณะเด่นยอดเป็นสีทองแดง ติดลูกห่างระหว่างข้อ มีใบเล็กเรียบ เจริญเติบโตเร็ว แต่ไม่ทนต่อโรค เป็นพันธุ์ดั้งเดิม (พงษ์ศักดิ์ และบัณฑิตชัย, 2542) ในระยะแรกของการปลูก

กาแฟ พบปัญหาการระบาดของโรคราสนิมเป็นอย่างมากซึ่งทำให้ผลผลิตกาแฟแทบไม่ประสบความสำเร็จเลย จึงได้มีการปรับปรุงพันธุ์เพื่อมีความสามารถในการต้านทานโรคราสนิม และให้ผลผลิตที่ดีขึ้นไปพร้อมกัน โดยโครงการหลวงพัฒนาชาวเขาได้รับเมล็ดพันธุ์กาแฟอาราบิก้าลูกผสมรุ่นที่ 2 ที่ศูนย์วิจัยโรคราสนิมของโปรตุเกส (Coffee Rust Research Center, Oeiras, Portugal) ได้ส่งเข้ามาเพื่อความต้านทานต่อโรคราสนิม ในปัจจุบันกาแฟอาราบิก้าลูกผสมเหล่านี้ได้ผ่านการทดสอบกับเชื้อราที่เป็นสาเหตุของโรคราสนิมแล้ว จึงได้คัดเลือกต้น บันทึกลงผลผลิตและพัฒนาจนถึงรุ่นที่ 6 ของแต่ละสายพันธุ์ ปัจจุบันได้แพร่กระจายไปตามแหล่งปลูกต่าง ๆ บนภูเขาในภาคเหนือ เช่น มูลนิธิแม่ฟ้าหลวง จ.เชียงราย ดอยช้าง จ.เชียงราย บนพื้นที่สูงของจังหวัดเชียงใหม่ แม่ฮ่องสอน ตาก น่าน เพชรบูรณ์ และพิษณุโลก นอกจากนี้ได้นำเมล็ดพันธุ์กาแฟอาราบิก้า คาติมอร์ (*Coffea arabica* cv. Catimor) 2 เบอร์จากประเทศโปรตุเกส คือ คาติมอร์ CIFIC 7962 และ คาติมอร์ CIFIC 7963 นำมาทดสอบกับลำพันธุ์ กันเชื้อรา *Hemileia vastatrix* Race II ในห้องปฏิบัติการ ลำพันธุ์เหล่านี้ได้ถูกส่งไปปลูกเพื่อทดสอบผลผลิตและความต้านทานต่อโรคราสนิมในสภาพธรรมชาติ ที่สถานีทดลองเกษตรหลวงขุนาวง จ.เชียงใหม่ สถานีเกษตรที่สูงเขาค้อ จ.เพชรบูรณ์ และศูนย์วิจัยและส่งเสริมกาแฟอาราบิก้า โครงการหลวงแม่หลอด จ.เชียงใหม่ ต่อมากองโรคพืชและจุลชีววิทยา กรมวิชาการเกษตร ได้รับเมล็ดพันธุ์กาแฟอาราบิก้าลูกผสมรุ่นที่ 2 ระหว่าง คาติมอร์ คาทูรา จำนวน 8 ชุด จากศูนย์วิจัยโรคราสนิมของโปรตุเกส ลำพันธุ์ที่ได้หลังจากการทดสอบกับเชื้อรา *H. vastatrix* Race II แล้ว ได้ถูกส่งไปปลูกที่ศูนย์วิจัยและพัฒนากาแฟอาราบิก้า โครงการหลวงแม่หลอด จ.เชียงใหม่ สถานีทดลองเกษตรที่สูงเขา

คือ จ.เพชรบูรณ์ (กรมส่งเสริมการเกษตร, 2557) และโครงการพัฒนาเพื่อความมั่นคง ภูซัด ภูเมียง และภูสอยดาว จ.พิษณุโลก และได้แจกจ่ายไปสู่เกษตรกร และชาวไทยภูเขาได้ปลูกกันอยู่จนถึงปัจจุบัน

อย่างไรก็ตาม เนื่องจากสายพันธุ์กาแฟได้มีการปรับปรุงสายพันธุ์มาเป็นระยะเวลาหนึ่งแล้ว ซึ่งในปัจจุบันทางสถานีทดลองเกษตรที่สูงเขาค้อ ได้นำพันธุ์กาแฟสายพันธุ์อาราบิก้าชื่อ คาติมอร์ (CatiMor) เป็นชื่อเรียกตามการผสมข้ามสายพันธุ์ระหว่างคาฟูราผลแดงเป็นต้นแม่พันธุ์ และ ไฮบริดเคอติมอร์เป็นต้นพ่อพันธุ์ ผลการผสมระหว่างลูกผสมข้ามชนิด ทำให้ลูกผสมที่ได้มีความต้านทานต่อโรคราสนิม และได้ลักษณะทรงเตี้ย ผลผลิตสูง โดยใช้หมายเลข CIFIC 19/1 และ 832/1 ซึ่งกำหนดโดยนักปรับปรุงพันธุ์พืชที่ Centro de Investicao das Ferrugens de Cafeeiro (CIFIC) ในประเทศโปรตุเกส สายพันธุ์ที่ปลูกในพื้นที่อำเภอเขาค้อ คือพันธุ์เชียงใหม่ 80 สายพันธุ์คาติมอร์ มีการขยายพันธุ์โดยอาศัยการผสมข้ามจนได้ต้นลูกออกมาหลายชุด ซึ่งได้ถูกระบุชื่อชุดออกมาเป็น สายต้น (clone) ซึ่งในสายต้นนี้ อาจมีความผันแปรทางพันธุกรรมจากสายพันธุ์เดิมหลังการปรับปรุง และอาจส่งผลต่อการถ่ายทอดลักษณะบางประการต่อไปในอนาคต จากเหตุผลข้างต้น จึงมีความสนใจที่จะศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมของกาแฟในแต่ละสายต้น ซึ่งหากเป็นการศึกษาจากลักษณะทางสัณฐานวิทยาอย่างเดียวจะไม่สามารถจำแนกความแตกต่างได้ จากการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตที่ผ่านมา ความก้าวหน้าทางด้านพันธุศาสตร์ในการคัดเลือกพันธุ์โดยอาศัยการศึกษาในระดับโมเลกุล ความแตกต่างของยีนที่ทำหน้าที่ควบคุมการแสดงออกของลักษณะต่าง ๆ ของสิ่งมีชีวิต การศึกษานี้มีประโยชน์อย่างมากที่จะนำมาใช้ในการปรับปรุงพันธุ์พืช ปัจจุบัน เครื่องหมายดีเอ็นเอ (DNA marker) หรือ เครื่องหมายโมเลกุล

(molecular marker) ได้เข้ามามีบทบาทในงานด้านพันธุศาสตร์และการปรับปรุงพันธุ์ พืชเป็นอย่างมาก เนื่องจากการจัดกลุ่มหรือการจำแนกสิ่งมีชีวิตโดยอาศัยลักษณะสัณฐานวิทยาทำได้ยาก โดยเฉพาะพืชซึ่งเป็นสิ่งมีชีวิตที่มีลักษณะภายนอกหลายประการที่คล้ายคลึงกัน (สรพวงค์, 2554) จึงมักทำให้เกิดความผิดพลาดในระหว่างการแยกความแตกต่างของสายพันธุ์ได้ โดยเฉพาะในสายพันธุ์ที่มีความใกล้เคียงทางพันธุกรรมกันมาก ๆ การใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอจึงเป็นอีกวิธีการหนึ่งที่จะช่วยในการบ่งชี้ความแตกต่างของสายพันธุ์พืช (varietal identification) ให้การจำแนกความแตกต่างของสายพันธุ์มีความถูกต้องแม่นยำมากยิ่งขึ้น (สุริพร, 2546) นอกจากนี้ เครื่องหมายดีเอ็นเอยังได้รับความนิยมอย่างมากในการประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิต (genetic diversity) อีกด้วย (Mondini et al., 2009)

จากข้อมูลเบื้องต้น งานวิจัยในครั้งนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของกาแฟสายพันธุ์อาราบิก้า เพื่อศึกษาความแปรผันทางพันธุกรรมโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล SSR ซึ่งจะเป็นข้อมูลให้ทราบถึงความเหมือนและความแตกต่างของข้อมูลทางพันธุกรรมและยังสามารถเป็นข้อมูลพื้นฐานในการรักษาพันธุกรรมกาแฟรวมไปถึงการปรับปรุงพันธุ์และการขยายพันธุ์ให้ได้กาแฟสายพันธุ์ดี เพื่อเพิ่มผลผลิตที่มีคุณภาพตามความต้องการได้ต่อไป

วิธีการศึกษา

รวบรวมตัวอย่างใบกาแฟจากต้นกาแฟในสถานีเกษตรที่สูงเพชรบูรณ์ สายพันธุ์อาราบิก้าชื่อ คาติมอร์ (CatiMor) ในการทดลองนี้ใช้พันธุ์กาแฟในการทดลองจำนวน 10 สายต้น ซึ่งระบุไว้เป็นรหัส (Table 1)

Table 1 List of coffee genotypes selected for SSR.

No.	Name	No.	Name
1	(7-4,5)	6	(4-1,39)
2	(7-1,7)	7	(5-2,74)
3	(5-3,63)	8	(5-2,87)
4	(5-3,104)	9	(4-1,1)
5	(5-4,42)	10	(4-1,53)

การสกัดดีเอ็นเอ

สกัดจีโนมิกส์ดีเอ็นเอส่วนใบกาแฟด้วยชุดสกัดสำเร็จรูป RBC Genomic DNA Kit Genomic DNA Extraction Mini Kit บริษัท RBC Bioscience ประเทศไต้หวัน โดยการนำใบกาแฟสดหรือใบกาแฟที่เก็บรักษาไว้ในอุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส ปริมาณ 100 mg นำมาบดในโถงที่ผ่านการฆ่าเชื้อ แล้วร่วมกับการเติมไนโตรเจนเหลวและบดจนเป็นผงละเอียด และเติมสารละลายต่าง ๆ ตามขั้นตอนในคู่มือชุดสกัดสำเร็จรูปที่ผู้ผลิตแนะนำจนเสร็จทุกขั้นตอน

การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอร์

คัดเลือกเครื่องหมายโมเลกุล SSR จากทั้งหมดจำนวน 9 เครื่องหมาย และสามารถเพิ่มปริมาณขึ้นดีเอ็นเอและเกิด polymorphism ในกาแฟทั้ง 10 สายต้นได้ทั้งหมด 3 เครื่องหมาย (Table 2) เพิ่มปริมาณขึ้นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอร์โดยใช้สารละลายดีเอ็นเอจากกาแฟแต่ละสายต้นที่มีความเข้มข้น 100 ng เป็นดีเอ็นเอแม่แบบ และเติมสารละลายบัฟเฟอร์ 2X Taq Master Mix จากบริษัท vivantis ซึ่งประกอบด้วย Taq DNA Polymerase 1X Buffer ปริมาตร 50 μ l $MgCl_2$ 2.5 mM KCl 50 mM dNTP 0.2 mM ปริมาตรรวมใน 1 ปฏิกิริยา 50 μ l ปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอร์ มีขั้นตอนดังนี้คือ เริ่มต้นปฏิกิริยาที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 4 นาที จากนั้นกำหนดให้ปฏิกิริยาในช่วง denaturation

ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 วินาที ปฏิกิริยาในช่วง annealing ลดอุณหภูมิเป็น 52 หรือ 60 องศาเซลเซียส ขึ้นอยู่กับไพรเมอร์ดังแสดงใน Table 2 ในขั้นตอนนี้ใช้เวลา 40 วินาที และปฏิกิริยาในช่วง extension เพิ่มอุณหภูมิเป็น 72 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 40 วินาที ทำปฏิกิริยาจนครบ 35 รอบ และสิ้นสุดปฏิกิริยาที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 5 นาที จากนั้นนำผลผลิตจากปฏิกิริยาไปตรวจสอบขนาดชิ้นดีเอ็นเอด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิสในเจลอะกาโรสความเข้มข้น 1.0 % เทียบขนาดระหว่างแถบดีเอ็นเอที่ได้จากปฏิกิริยากับดีเอ็นเอมาตรฐาน (Figure 1) เพื่อนำภาพไปวิเคราะห์ผลและนำข้อมูลไปสร้างเดนโดแกรมเพื่อวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรม

การบันทึกผลและวิเคราะห์ข้อมูล

วิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอ (DNA fingerprint) โดยศึกษาลักษณะที่ปรากฏบนแถบดีเอ็นเอของกาแฟทั้ง 10 สายต้น โดยนำแผ่นเจลมาวิเคราะห์ความเข้มและจำนวนของแถบดีเอ็นเอด้วยโปรแกรม PhotoCapMw ให้คะแนนแถบดีเอ็นเอที่ปรากฏเท่ากับ 1 และที่ไม่ปรากฏเท่ากับ 0 เพื่อหาค่าดัชนีความเหมือน (similarity index) จากสมการ $S.I. = 2_{\frac{n_{ab}}{n_a + n_b}}$ (Lynch, 1991) เมื่อ n_a และ n_b แทนจำนวนแถบดีเอ็นเอทั้งหมดที่พบในตัวอย่าง a และ b ตามลำดับ และ n_{ab} คือจำนวนแถบดีเอ็นเอที่พบเหมือนกันทั้ง 2 ตัวอย่าง คำนวณ Polymorphism information content (PIC) ค่า Polymorphism

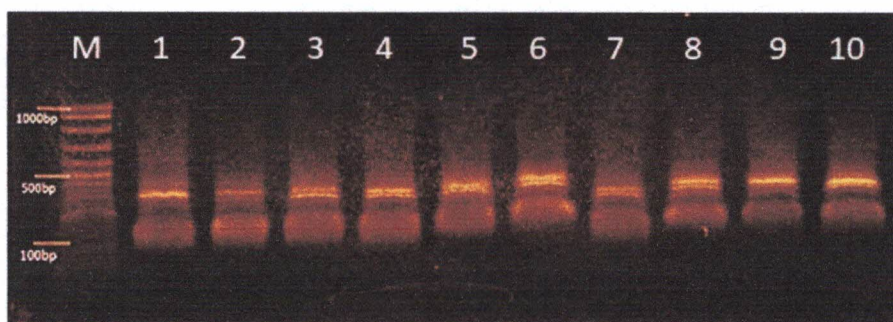


Figure 1 SSR patterns of ten Coffee clone (using primer Sat 172) Lane M, 1kb DNA ladder plus; Lane 1-10, (7-4,5), (7-1,7), (5-3,63), (5-3,104), (5-4,42), (4-1,39), (5-2,74), (5-2,87), (4-1,1) and (4-1,53)

information content (PIC) ใช้บอกค่าความสามารถในการจำแนกความแตกต่างของไพรเมอร์แต่ละชนิด ซึ่งสามารถคำนวณได้จากสูตร

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n p_{ij}^2$$

กำหนดให้ P_{ij} คือ ความถี่ของอัลลีล j ของ marker i

วิเคราะห์ด้วยวิธี unweighted pair group method with arithmetic mean (UPGMA) แล้วนำมาจัดกลุ่มทางพันธุกรรม เพื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์

ทางพันธุกรรมด้วยโปรแกรม NTSYS-pc (Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System) รุ่น 2.0 (Rohlf, 2002) แล้วเปรียบเทียบผลการจัดกลุ่มที่ได้

ผลการศึกษา

จากการศึกษาความใกล้เคียงทางพันธุกรรมของกาแฟทั้งหมด 10 สายต้น ผลจากการใช้ไพรเมอร์ที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้สำหรับเทคนิคเครื่องหมายโมเลกุลเอสเอสอาร์จำนวน 3 เครื่องหมาย ได้แก่ Sat 172, Sat 227 และ M24 นำมาทดสอบ

Table 2. SSR primers information for Coffee DNA amplification.

Primer Name	Primer Sequence (F)	Primer Sequence (R)	Reference
Sat 172	ACGCAGGTGGTAGAAGAATG	TCAAAGCAGTAGTAGCGGATG	Combes et al. (2000)
Sat 207	GAAGCCGTTTCAAGCC	CAATCTCTTTCCGATGCTCT	Lashermes et al. (2011)
Sat 227	TGCTTGGTATCCTCACATTCA	ATCCAATGGAGTGTGTTGCT	Combes et al. (2000)
Sat 229	TTCTAAGTTGTTAAACGAGACGCTTA	TTCCTCCATGCCCATATTG	Combes et al. (2000)
Sat 235	TCGTTCTGTCATTAAATCGTCAA	GCAAATCATGAAAATAGTTGGTG	Lashermes et al. (2011)
Sat 240	TGCACCCTTCAAGATACATTCA	GGTAAATCACCGAGCATCCA	Combes et al. (2000)
Sat 254	ATGTTCTTCGCTTCGCTAAC	AAGTGTGGGAGTGTCTGCAT	Lashermes et al. (2011)
Sat 262	CTGCGAGGAGGAGTTAAAGATACCAC	GCCGGGAGTCTAGGGTTCTGTG	Lashermes et al. (2011)
M24	GGCTCGAGATATCTGTTTAG	TTAATGGGCATAGGGTCC	Combes et al. (2000)

Table 3 Results of SSR Primers Amplification

Primer	Number of alleles	polymorphic alleles		Monomorphic alleles		alleles frequency	PIC
		number	%	number	%		
Sat 172	11	10	90.00	1	9.09	0.01 – 0.20	0.87
Sat 227	11	11	100.00	-	0	0.04 – 0.11	0.86
M24	10	10	100.00	-	0	0.01 – 0.20	0.92

Table 4 Similarity index of Coffee accession using SSR markers.

Accession	7-4,5	7-1,7	5-3,63	5-3,104	5-4,104	4-1,39	5-2,74	5-2,87	4-1,1	4-1,53
7-4,5	0.00									
7-1,7	0.31	0.00								
5-3,63	0.33	0.22	0.00							
5-3,104	0.31	0.20	0.05	0.00						
5-4,104	0.43	0.30	0.10	0.10	0.00					
4-1,39	0.72	0.63	0.42	0.41	0.32	0.00				
5-2,74	0.30	0.20	0.21	0.23	0.31	0.60	0.00			
5-2,87	0.41	0.31	0.15	0.12	0.03	0.33	0.31	0.00		
4-1,1	0.52	0.21	0.20	0.21	0.14	0.42	0.41	0.13	0.00	
4-1,53	0.50	0.20	0.24	0.23	0.16	0.42	0.40	0.10	0.03	0.00

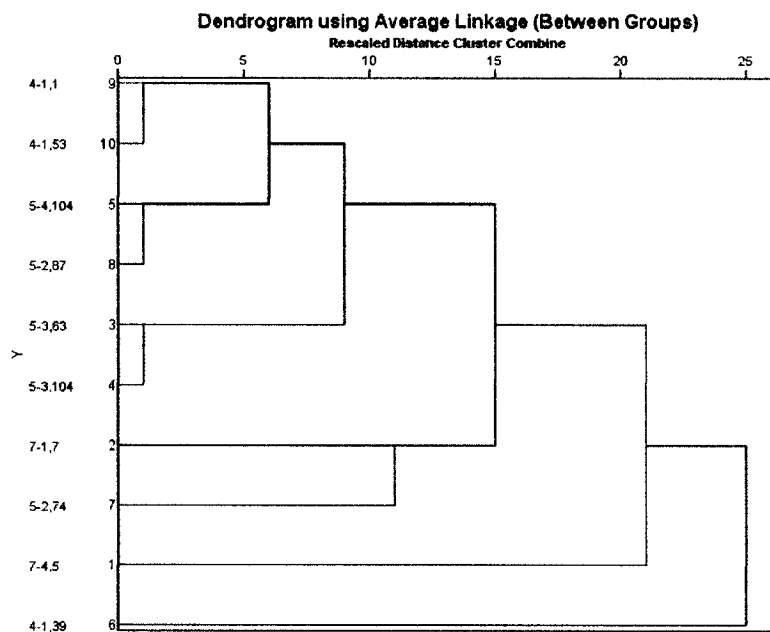


Figure 2 Dendrogram of ten coffee cultivars based on SSR marker.

เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกาแฟ วิเคราะห์แถบดีเอ็นเอที่ได้ พบว่า จำนวนอัลลีลของเครื่องหมายทั้ง 3 ชนิด คือ 11, 11 และ 10 ตามลำดับ รวมทั้งสิ้น 32 อัลลีล ในจำนวนนี้มีอัลลีล ที่แสดง polymorphism 30 อัลลีล คิดเป็นร้อยละ 93.75 โดยทุกเครื่องหมายมีค่า Polymorphism information content (PIC) อยู่ในระดับที่สูง โดย M24 มีค่าสูงสุด คือ 0.92 ในขณะที่ Sat 227 มีค่าต่ำสุด คือ 0.86 (Table 2) ผลการวิเคราะห์ดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของกาแฟมีค่าอยู่ในช่วง 0.03-0.72 ค่าความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างสายต้น (4-1,1) กับ (4-1,53) และ (5-4,104) กับ (5-2,87) มีค่าต่ำสุด (0.03) ขณะเดียวกัน ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างกาแฟสายต้น (4-1,39) และ (7-4,5) มีค่าสูงสุด (0.72) (Table 4) ค่าสัมประสิทธิ์ความต่างที่ 70 เปอร์เซนต์ เมื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกาแฟด้วยวิธี UPGMA โดยใช้ค่าดัชนีความแตกต่างทางพันธุกรรม และสร้างแผนภาพแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (dendrogram) ของกาแฟทั้ง 10 สายต้น สามารถจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ได้ 3 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 สายต้นกาแฟ (7-1,7), (5-6,63), (5-3,104), (5-4,104), (5-2,74), (5-2,87), (4-1,1) และ (4-1,53) กลุ่มที่ 2 ได้แก่ สายต้นกาแฟ (7-4,5) และกลุ่มที่ 3 ได้แก่ สายต้นกาแฟ (4-1,39) (Figure 2)

วิจารณ์ผลการศึกษา

ในการวิเคราะห์ค่าความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ค่าความคล้ายคลึงทางพันธุกรรมเข้าใกล้ 1 มากที่สุด จะมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมมากที่สุด จากการทดลองพบว่า กาแฟสายต้น (4-1,1) กับ 4-1,53 และ (5-4,104) กับ 5-2,87 มีค่าดัชนีความเหมือนค่าต่ำที่สุดคือมีค่าเท่ากับ 0.03 กับความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างสายต้น (4-1,39) กับสายต้น (7-4,5) มีค่าสูงสุด (0.72) ในขณะที่กาแฟสายต้น

(4-1,39) กับสายต้น (7-4,5) มีค่าสูงสุดที่ 0.72 เช่นเดียวกัน เมื่อนำมาหาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกาแฟ 10 สายต้นด้วยวิธี UPGMA และนำมาสร้างแผนภาพแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกาแฟ พบว่า กาแฟสายต้น (7-4,5) และ (4-1,39) ถูกแยกออกมาจากกลุ่มอื่นอย่างชัดเจน นอกจากนี้เมื่อวิเคราะห์แผนภาพแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกาแฟทั้ง 10 สายต้น ค่าดัชนีความเหมือนที่ได้จากการจัดกลุ่มความสัมพันธ์ มีค่าอยู่ระหว่าง 0.03-0.72 จากการศึกษาในครั้งนี้ ทำให้ตั้งข้อสังเกตได้ว่า แม้สิ่งมีชีวิตจะเป็นสิ่งมีชีวิตในสปีชีส์เดียวกัน หรือแม้กระทั่งสายพันธุ์เดียวกัน แต่มีการผสมข้ามมาแล้วหลายรุ่น ก็สามารถส่งผลกระทบต่อลักษณะการแสดงออกทางพันธุกรรมได้และจากปรากฏการณ์ดังกล่าว สามารถใช้เครื่องมือวัดความผันแปรทางพันธุกรรมได้โดยเครื่องมือดังกล่าวคือ การใช้เทคนิคเครื่องหมายโมเลกุล ซึ่งเครื่องหมายโมเลกุลเอสเอสอาร์เป็นหนึ่งในเครื่องหมายโมเลกุลแบบ codominant สามารถแยกความแตกต่างระหว่าง homozygote และheterozygote และใช้เป็นเครื่องหมายช่วยในการคัดเลือกสายพันธุ์เพื่อการปรับปรุงพันธุ์พืชได้อย่างมีประสิทธิภาพและรวดเร็ว (Oliveira et al., 2010) ในการศึกษาความแตกต่างทางพันธุกรรมพืชหรือนำมาใช้ทำลายพิมพ์ดีเอ็นเอ (DNA fingerprint) ในข้าว (สุริพร, 2546) เครื่องหมายโมเลกุลเอสเอสอาร์ยังถูกนำไปใช้เป็นเครื่องหมายในมะขามป้อมสามารถหาลำดับเบสบนชิ้นดีเอ็นเอ 72 clones จาก genomic libraries และพบว่ามี 57 clones ที่มี SSR ในการออกแบบเครื่องหมาย 54 ชนิดในเบื้องต้นพบว่ามี 11ชนิดที่มี polymorphism จำนวนของอัลลีลอยู่ในช่วง 3-8 อัลลีล (สุจิตรา, 2552) และจากการสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอของยีนในข้าว 15 สายพันธุ์ สามารถใช้เครื่องหมายโมเลกุลในการจำแนกข้าว japonica ออกจากข้าว indica ได้ (Chakravarthi and Naravaneni, 2006) อย่างไรก็ตาม เมื่อมีการเปรียบเทียบประสิทธิภาพในการ

วิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างเครื่องหมายโมเลกุล SSR กับเครื่องหมายโมเลกุลชนิดอื่น ยังคงให้ผลความแม่นยำในระดับที่ต่างกัน จากการทดลองของ Dessalegn et al.(2009) ได้เปรียบเทียบประสิทธิภาพในการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเครื่องหมายโมเลกุล SSR กับเครื่องหมายโมเลกุล AFLP ในกาแฟในประเทศเอธิโอเปีย ทั้งหมด 28 สายพันธุ์ พบว่าเครื่องหมายโมเลกุล SSR เกิดแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 22 แถบ ขณะที่เครื่องหมายโมเลกุล AFLP เกิดแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 712 แถบ ค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงกันทางพันธุกรรมเฉลี่ยที่คำนวณโดยใช้เครื่องหมาย SSR นั้นต่ำกว่ามาก คือเฉลี่ย 0.560 (ช่วง 0.286 -1.000) เมื่อเปรียบเทียบกับเครื่องหมายโมเลกุล AFLP มีค่าเท่ากับ 0.915 (ช่วง 0.860-0.982) แต่อย่างไรก็ตามเครื่องหมายโมเลกุล SSR และเครื่องหมายโมเลกุล AFLP สามารถแยกความแตกต่างของจีโนมได้ทั้งหมดได้ สำหรับการศึกษานี้พบว่า กาแฟสายพันธุ์อาราบิก้าที่มีการปรับปรุงพันธุ์ คัดเลือกและพัฒนาพันธุ์จากสถานีเกษตรที่สูงเพชรบูรณ์ มีความคล้ายคลึงกันทางพันธุกรรมค่อนข้างมาก อย่างไรก็ตาม แม้จะเป็นกาแฟสายพันธุ์เดียวกัน และมีการปรับปรุงพันธุ์ซึ่งได้มาจากแหล่งเดียวกัน แต่จากการตรวจสอบความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลเอสเอสอาร์ ก็สามารถตรวจพบความผันแปรทางพันธุกรรมในกาแฟจากแหล่งเดียวกันซึ่งทำให้ทราบได้ว่า การปรับตัวต่อสภาพแวดล้อม การขยายพันธุ์และการให้ผลผลิต ในระหว่างนั้นก็มีการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมไปจากเดิม ดังนั้น สำหรับการทดลองนั้นนอกจากได้ทราบข้อมูลทางพันธุกรรมที่ผันแปรของกาแฟแล้ว ยังสามารถใช้เครื่องหมายโมเลกุลเอสเอสอาร์เพื่อตรวจสอบความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกาแฟสำหรับการปรับปรุงพันธุ์กาแฟต่อไป

สรุป

จากการศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกาแฟ โดยใช้เทคนิคเครื่องหมายโมเลกุลเอสเอสอาร์จากกาแฟอาราบิก้า ทั้งหมด 10 สายต้น สกัดดีเอ็นเอและเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอและเพิ่มปริมาณด้วยเครื่องหมายโมเลกุล SSR จำนวน 9 ชนิด ซึ่งเครื่องหมายโมเลกุลที่สามารถเกิด polymorphism ได้แก่ เครื่องหมาย Sat 172, Sat 227 และ M24 ค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงกันทางพันธุกรรมมีค่าอยู่ในช่วง 0.03 - 0.72 จำนวนอัลลีลของเครื่องหมายทั้ง 3 ชนิด คือ 11, 11 และ 10 ตามลำดับ รวมทั้งสิ้น 32 อัลลีล ในจำนวนนี้มีอัลลีล ที่แสดง polymorphism 30 อัลลีล คิดเป็นร้อยละ 93.75 โดยทุกเครื่องหมายมีค่า Polymorphism information content (PIC) อยู่ในระดับที่สูง โดย M24 มีค่าสูงที่สุด คือ 0.92 และเมื่อจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA ทำให้แบ่งกลุ่มกาแฟออกเป็น 3 กลุ่ม กลุ่มที่ 1 ได้แก่ สายต้น (7-1,7), (5-6,63), (5-3,104), (5-4,104), (5-2,74), (5-2,87), (4-1,1) และ (4-1,53) กลุ่มที่ 2 ได้แก่ (7-4,5) และกลุ่มที่ 3 ได้แก่ (4-1,39) จากผลการทดลองนี้ทำให้ทราบถึงลักษณะความใกล้ชิดทางพันธุกรรมหรือลักษณะความแปรปรวนในกลุ่มประชากร ซึ่งถูกจำแนกได้ด้วยเครื่องหมายโมเลกุลเอสเอสอาร์ ดังนั้นเครื่องหมายโมเลกุลนี้จะเป็นเครื่องมือสำคัญที่สามารถช่วยให้นักปรับปรุงพันธุ์ได้ทราบถึงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่มีความใกล้ชิดในระดับใด เพื่อใช้วางแผนในการปรับปรุงพันธุ์กาแฟให้มีประสิทธิภาพต่อไปในอนาคต

กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบคุณทุนอุดหนุนงบประมาณแผ่นดิน ประเภทโครงการสนับสนุนการวิจัยและนวัตกรรมเพื่อสร้างความเป็นเลิศทางวิชาการ

ประจำปีงบประมาณ พ.ศ. 2562 และสถาบันวิจัยและพัฒนา มหาวิทยาลัยราชภัฏเพชรบูรณ์ ที่ให้การสนับสนุนทุนวิจัย

เอกสารอ้างอิง

- กรมส่งเสริมการเกษตร กระทรวงเกษตรและสหกรณ์. 2557. การเพิ่มประสิทธิภาพการผลิตกาแฟ. พิมพ์ครั้งที่ 1 โรงพิมพ์ชุมนุมสหกรณ์การเกษตรแห่งประเทศไทย จำกัด, กรุงเทพฯ. 143 หน้า.
- พงษ์ศักดิ์ อังกสิทธิ์ และบัณฑิต วาฤทธิ์. 2542. การปลูกและผลิตกาแฟอาราบิก้าพันธุ์สูง. พิมพ์ครั้งที่ 2. มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ จ.เชียงใหม่. 229 หน้า.
- สรพงศ์ เบญจศรี. 2554. เครื่องหมายโมเลกุลสำหรับการปรับปรุงพันธุ์พืช. วารสารวิทยาศาสตร์ มข. 39:350-363.
- สุจิตรา จางตระกูล. 2552. ความก้าวหน้าในการพัฒนาเครื่องหมายโมโครแซทเทลไลต์ในไม้พะยูน. การประชุมพันธุศาสตร์แห่งชาติ ครั้งที่ 16 เรื่อง "พันธุศาสตร์แก้วิกฤตพลังงานชาติ" ณ คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ ศูนย์รังสิต อ. คลองหลวง จ.ปทุมธานี ระหว่างวันที่ 25-27 มีนาคม 2552.
- สุดารินทร์ รอดมณี อารีวรรณ แซ่ตระกูล ณัฐพล ขานหมัด. 2558. การศึกษากระบวนการปลูกกาแฟ การแปรรูปกาแฟ และการจัดการบริหารวิสาหกิจชุมชน กลุ่มกาแฟบ้านถ้ำสิงห์ จังหวัดชุมพร. รายงานวิจัย ฉบับที่ 236. 260 หน้า.
- สุรินทร์ ปิยะโชติณากุล. 2545. จีโนมและเครื่องหมายดีเอ็นเอ: ปฏิบัติการอาร์เอฟดีและเอฟแอลพี. ภาควิชาพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.)
- สุวีพร เกตุงาม. 2546. เครื่องหมายดีเอ็นเอในงานปรับปรุงพันธุ์พืช. วารสารวิชาการมหาวิทยาลัยอุบลราชธานี. 5:37-59.
- Chakravarthi, B.K. and R. Narayanan. 2006. SSR Marker Based DNA Fingerprinting and Diversity Study in Rice (*Oryza sativa*. L.). Afr. J. Biotechnol. 5: 684-688.
- Dessalegn, Y., L. Herselman, and M. Labuschagne. 2009. Comparison of SSR and AFLP analysis for genetic diversity assessment of Ethiopian arabica coffee genotypes. S. Afr. J. Plant Soil. 26(2): 119-125.
- Haritha, G., T. Sudhakar, D. Chandra, T. Ram, B. Divya, and N. Sarla. 2016. Informative ISSR markers help identify genetically distinct accessions of *Oryza rufipogon* in yield improvement. Rice Sci. 23: 225-2241.
- Korpelainen, H., K. Kostamo, and V. Virtanen. 2007. Microsatellite marker identification using genome screening and restriction-ligation. BioTechniques. 42: 479-486.
- Kumar, A., P. Mishra, K. Baskaran, K.A. Shukla, K.A. Shasany, and V. Sundaresan. 2016. Higher efficiency of ISSR markers over plastid psbA-trnH region in resolving taxonomical status of genus *Ocimum* L. Ecol. Evol. 6: 7671-7682.
- Lashermes, P. M.C., Combes, C. Ansaldi, E. Gichuru, and S. Noir. 2011. Analysis of alien introgression in coffee tree (*Coffea arabica* L.) Mol. Breed. 27: 223-232.

- Lynch, M. 1991. Analysis of population genetic structure by DNA fingerprinting, DNA Fingerprinting: Approaches and Application, Birkhauser Verlag, Basel, Switzerland.
- Mondini, L., A. Noorani, and M.A. Pagnotta. 2009. Assessing plant genetic diversity by molecular tools. *Diversity*.1:19-35.
- Oliveira, E.J., A. Santos Silva, F. M. Carvalho, L. F. Santos, J. L. Costa, V. B. Oliveira Amorim, and J. L. L.
- Dantas. 2010. Polymorphic microsatellite marker set for *Carica papaya* L. and its use in molecular- assisted selection. *Euphytica* 173: 279-287.
- Rohlf, F. 2002. NTSYS-pc Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, Applied Biostatistics, New York.



ประชุมวิชาการเกษตร ครั้งที่ 21
The 21st Agricultural Conference

คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น จ.ขอนแก่น 40002

โทรศัพท์ 043-202360, 083-3435926

<http://ag2.kku.ac.th/conference21>

วันที่ 14 ธันวาคม 2562

เรื่อง แจ้งผลตอบรับ/การพิจารณาการตีพิมพ์บทความ

เรียน นายสุรเชษฐ เอี่ยมสำอาง

ตามที่ท่านได้ส่งบทความเพื่อนำเสนอในประชุมวิชาการเกษตรครั้งที่ 21 ประจำปี 2563 และเพื่อลงตีพิมพ์ในวารสารแก่นเกษตร ฉบับพิเศษ เลขทะเบียนเรื่องของท่านคือ Agr20 “ความหลากหลายทางพันธุกรรมของกาแฟ (Coffea arabica) ในพื้นที่อำเภอเขาค้อ จังหวัดเพชรบูรณ์ โดยเทคนิคเครื่องหมายโมเลกุลเอสเอสอาร์” บัดนี้ เรื่องของท่านได้ถูกพิจารณาจากผู้ทรงคุณวุฒิ และกองบรรณาธิการเรียบร้อยแล้ว กองบรรณาธิการมีความยินดีที่จะแจ้งให้ทราบว่าเรื่องของท่านมีความเหมาะสมที่จะตีพิมพ์ได้ โดยวารสารแก่นเกษตรจะตีพิมพ์บทความของท่านใน ปีที่ 48 ฉบับพิเศษ 1 ทั้งนี้บทความของท่านได้รับการพิจารณาให้นำเสนอในรูปแบบ Poster (ในกรณีที่ท่านมีความเห็นต่าง โปรดแจ้งกลับมาทาง e-mail ที่ส่งถึงท่านภายในวันที่ 20 ธันวาคม 2562)

พร้อมนี้โปรดยืนยันการลงทะเบียนเข้าร่วมประชุมวิชาการโดยสแกนหลักฐานการโอนเงินค่าลงทะเบียนเข้าบัญชีคณะเกษตรศาสตร์ ธนาคารกรุงไทย บัญชีออมทรัพย์ สาขามหาวิทยาลัยขอนแก่น ชื่อบัญชี คณะเกษตรศาสตร์ ม.ข. (การประชุมวิชาการเกษตร) เลขที่บัญชี 980-2-86559-1 โดยส่งหลักฐานพร้อมระบุชื่อ-ที่อยู่สำหรับการออกใบเสร็จ มาที่ e-mail: agconferencekku@gmail.com อัตราค่าลงทะเบียนที่ประชุมวิชาการเกษตรครั้งที่ 21 กำหนดไว้คือ

3,000 บาทต่อ 1 เรื่อง สำหรับนักวิจัย และบุคคลทั่วไป

2,000 บาทต่อ 1 เรื่อง สำหรับนักศึกษา

ทั้งนี้หากท่านไม่สามารถดำเนินการภายในวันที่ 25 ธันวาคม 2562 คณะกรรมการจัดประชุมวิชาการฯ ขอสงวนสิทธิ์ในการยกเลิกบทความดังกล่าว โดยคณะกรรมการจัดประชุมวิชาการฯ จะพิจารณาตีพิมพ์บทความของท่านในวารสารแก่นเกษตรฉบับพิเศษเมื่อได้รับการยืนยันการลงทะเบียนเท่านั้น

จึงเรียนมาเพื่อโปรดพิจารณาดำเนินการ

ขอแสดงความนับถือ

ผู้ช่วยศาสตราจารย์นันท์ กระจ่างกลาง

ประธานฝ่ายกองบรรณาธิการ และตรวจอ่าน